



FIG. 1

```

H.s._MSC1      0 CTCAC TTCG CCGC AGGTG AGGCAG GCGCCG ACACCG AGCCCG CCGCAG CCGGGCTCCCAACC
M.m._MSC1      0 ACTTC CGCC-AGGTG AGG-CCG- TCCGTGCC CGCAGC CCGGGCTCCCAACC
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1      11      21      31      41      51

H.s._MSC1      60 TGCTCCTCCAGCGCAC CAGGTGCTTTAAGAGTGATTGAAGAGATAATTCAAAATGCGCT
H.s._MSC1.pep    0
M.m._MSC1      52 CCGCCGTGCGCCGATCAGAC--TTTTTGAAGTGATTGAAAAGAAATATCCCAAAATGCGCT
M.m._MSC1.pep    0
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
61      71      81      91     101     111

H.s._MSC1      120 GAAATCCTGCTACAGATAAACTGCAGGTGCTGCAGGTACTTGATCGCCTGAAAATGAAA
H.s._MSC1.pep    2 E--N--P--A--T--D--K--L--Q--V--L--Q--V--L--D--R--L--K--M--K--
M.m._MSC1      110 GAAACCCCTGCTGCAGAGAAAGATGCAGGTCCCTGCAGGTCCCTGGATCGCCTTCGAGGGAAG
M.m._MSC1.pep    2 E--N--P--A--A--E--K--M--Q--V--L--Q--V--L--D--R--L--R--G--K--
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
121     131     141     151     161     171

H.s._MSC1      180 TTGCAGGAGAAGGGTGACACGTGCGAGAATGAGAAGTTATCTATGTTTATGAGACACTA
H.s._MSC1.pep    22 L--Q--E--K--G--D--T--S--Q--N--E--K--L--S--M--F--Y--E--T--L--
M.m._MSC1      170 CTGCAGGAGAAGGGAGAGACACGACGACGAGAAGCTGTCTGCGTTCTACGAGACGCTG
M.m._MSC1.pep    22 L--Q--E--K--G--D--T--T--Q--N--E--K--L--S--A--F--Y--E--T--L--
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
181     191     201     211     221     231

H.s._MSC1      240 AAGAGTCCTCTCTTCAACCAGATACTCACACTTCAGCAGTCCATCAAGCAACTGAAGGGT
H.s._MSC1.pep    42 K--S--P--L--F--N--Q--I--L--T--L--Q--Q--S--I--K--Q--L--K--G
M.m._MSC1      230 AAGAGCCCTCTCTTCAACCAGATCCTTACACTGCAGCAGTCCATCAAGCAGCTGAAGGGA
M.m._MSC1.pep    42 K--S--P--L--F--N--Q--I--L--T--L--Q--Q--S--I--K--Q--L--K--G
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
241     251     261     271     281     291

```

FIG. 2